

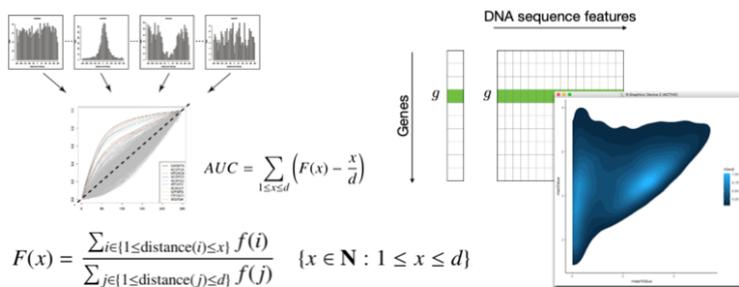
バイオインフォマティクス研究室

コンピューターと大規模データを通じて医学生物学における課題を解決する「バイオインフォマティクス」を研究しています。

バイオインフォマティクスは、実験計測技術および情報科学技術の革新により、今まさにホットな研究領域となっています。私たちは、大規模データと数理・情報科学的視点に基づいた医学生物学研究を志向します。

ゲノムの機能の解釈・予測技術の開発

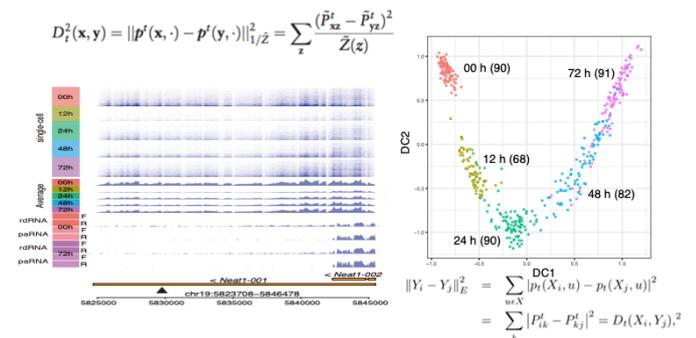
ヒトゲノム配列が解読されても実は配列の意味の多くはわかっていません。配列の意味が分からなければ、臨床現場で発見される一人一人が持つ変異がどのような影響をもたらすかはわかりません。そこで、機械学習などの情報科学技術を用いることでゲノム配列の機能や個人の変異の影響を予測する研究を行っています。



Ozaki and Iwasaki, *Comp. Biol. Chem.* (2016)
Yoshitane et al., *Commn. Biol.* (2019)

単一細胞計測データの応用研究

単一細胞レベルで遺伝子発現やエピゲノム状態を計測できる技術が拡がりを見せています。それらの新しい種類のデータから再生医療や疾患研究への応用を見据えた情報を引き出せるような情報技術・手法の開発を行っています。



Ozaki et al., *BMC Genomics* (2020)
Hayashi & Ozaki et al., *Nat. Commn.* (2018)

医学生物学研究とAI技術・データサイエンスの融合領域に関心のある意欲的な学生を歓迎します。他にも以下のようなプロジェクトが走っています。

- ・空間1細胞トランスクリプトームデータからの細胞間相互作用モデルの構築
- ・再生医療の効率を高めるためのエピゲノムデータ解析
- ・機械学習による疾患発見モデルの構築

バイオインフォマティクスの研究は仮説構築と実証のサイクルが非常に高速であることも魅力の一つです。そのため、比較的短期間であっても筆頭著者で国際学術誌や国際学会での成果発表が期待できます。

まずは気軽にご相談ください。



尾崎遼 准教授



土屋 貴穂 助教



haruka.ozaki@md.tsukuba.ac.jp

高細精医療イノベーション棟 307 (春日地区)